WWW.SCIAM-MAGAZINE.NAROD.RU

Программы, моделирующие эволюцию биологических видов палеозоя и эволюцию английских фамилий

А. К. ДЬЮДНИ

В ЮЖНОЙ части Онтарио и в западной части штата Нью-Йорк находятся богатые ископаемыми остатками выходы девонской горной породы. Одно такое «месторождение» расположено неподалеку от моего дома. Там, в карьере, сохраняющем следы доисторической жизни, я однажды увидел череп трилобита, уставившегося на меня из слоя глинистого сланца. Поглощенный процессом осторожного извлечения остатков, я вдруг услышал шарканье чьих-то ног и, резко повернувшись, увидел за своей спиной солидного бородатого мужчину. «Роскошный экземпляр *Phacops rana*, — сказал он. — Жаль, что они все вымерли». Незнакомец оказался профессором палеонтологии, его фамилия была Смит. «Интересно, — полюбопытствовал я вслух, — почему они вымерли?» Профессор Смит посмотрел задумчиво вдаль и затем в ответ на мой вопрос спросил: «Интересно, почему фамилия Смит такая распространенная?»

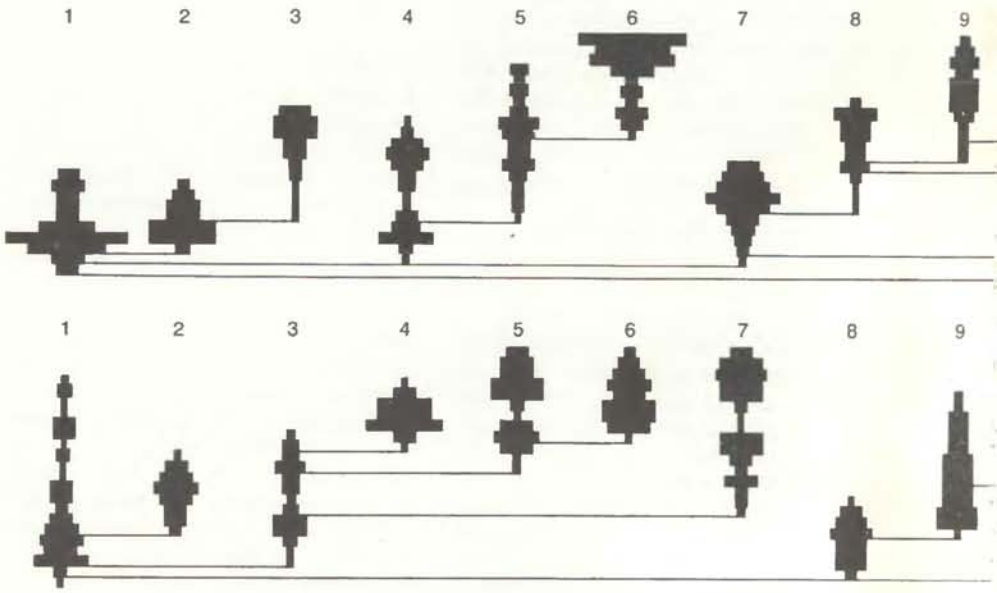
Чтобы точно ответить на эти вопросы, нужно было бы, наверное, проследить за сложным и необратимым взаимодействием генетических факторов и условий окружающей среды. Однако приближенные ответы дают нам две компьютерные программы, которые моделируют эволюцию биологических видов и фамилий при помощи одного и того же механизма. Первая программа по замыслу должна была моделировать «великие вымирания» в палеозойскую эру. Ее первоначальная версия была создана Д. Раупом, известным палеонтологом из Чикагского университета. Программа строит филогенетическое дерево, причем его структурные элементы выбираются произвольно: на каждом такте геологических часов кончик каждой ветви дерева с определенной вероятностью либо растет, либо разветвляется, либо отмирает. Картина этого случайного эволюционного процесса, порождаемого программой, удивительно напоминает хронику, зафиксированную ископаемыми находками, и в ней, в частности, также присутствует явление массового вымирания видов.

Вторая программа моделирует процесс распространения и исчезновения английских фамилий за период с 1350 г. до настоящего времени. Программа эта — результат творческой деятельности К. Стерджеса и Б. Хэггета, сотрудников британского министерства обороны. Стерджес и Хэггет в свободное время увлекаются генеалогией. Они заинтересовались, почему в исторических документах многие древние фамилии постепенно исчезают. Может ли подобное исчезновение быть случайным событием? Чтобы выяснить, в чем тут дело, они написали моделирующую программу. Согласно полученным результатам, три четверти фамилий, распространенных в 1350 г., по чисто случайным причинам исчезли на протяжении последующих 636 лет.

Каждый читатель, желающий совершить путешествие в вероятностной машине времени, может сам написать упрощенную версию любой из этих двух программ, сохранив наиболее существенные свойства, присущие оригиналам. При помощи первой программы вы проделаете путешествие длительностью в несколько сот миллионов лет, наблюдая за тем, как биологические виды и роды, состоящие из неизвестных и безымянных существ, становятся более разнообразными или вымирают. Вторая программа охватывает всего несколько сот лет, но исследуемая ею проблема по-человечески нам более интересна. Какие фамилии выйдут победителями: Смиты или Смедли?

Программа, которую я назвал PALEOTREE, начинает свою работу с единственного первородного существа. Чтобы наша модель носила палеонтологический смысл, присвоим этому существу какое-нибудь научное имя, например *Paleoplasmus radiculus*. Впрочем, читатели могут сами поупражняться в латыни и выбрать любое другое имя. В произвольно заданный момент времени программа представляет полную популяцию *P. radiculus* в виде одного узла, или точки, в структуре данных, называемой деревом. Любая популяция существ, принадлежащих той же биологической категории, что и *P. radiculus*, и происходящих из нее, также представляется в виде узла — в программе не производится подсчета количества живущих особей, их популяция представляется целиком.

За одно мгновение реального времени в модели проходят миллионы лет, и на каждом шаге программа рассматривает результаты эволюционного процесса. Старая популяция существ может сохраниться в неизменном виде на протяжении следующих



Процесс эволюционного развития, ветвление и образование новых видов

WWW.SCIAM-MAGAZINE.NAROD.RU

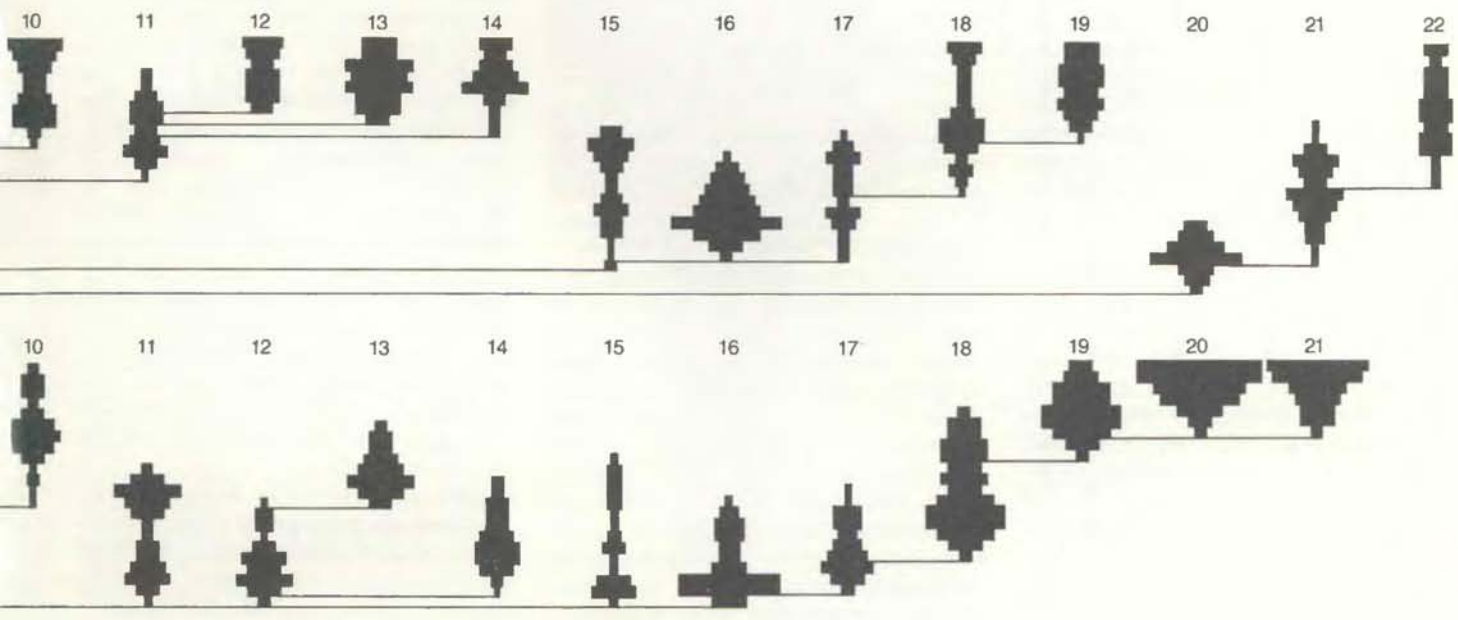
нескольких миллионов лет. Если это так, то исходный узел на дереве порождает новый узел, связанный прямой линией с первым. Может случиться и так, что исходная популяция не только выживает, но и порождает новую биологическую категорию. Подобный исход можно представить в виде Y-образного разветвления. Одна из этих ветвей ведет к новому узлу, являющемуся продолжением исходной биологической категории, а вторая ведет к другому новому узлу, представляющему начало новой категории. Наконец, возможен и такой вариант, когда исходная популяция вымирает. В этом случае исходный узел становится тупиковым и у него нет никаких отростков.

Судьба каждого узла, порожденного на дереве, решается программой PALEOTREE случайным образом: продолжит ли популяция свое существование в неизменном виде, породит ли она новую биологическую категорию или целиком окажется вымершей? Конечно, строго говоря, эти три возможности далеко не полностью отражают все богатство структуры биологической эволюции. Из всего сказанного о программе следует, что все существа, произошедшие от одного и того же общего предка, являются монофилогенетическими, т. е. они достаточно близки друг к другу, чтобы их можно было отнести к одной и той же биологической категории, и поэтому они принадлежат одному и тому же дереву. Однако иногда эволюционный процесс приводит к возникновению новой широкой категории или к массовому вымиранию, когда исчезают старые категории. Таксономисты различают много подобных категорий — от подвидов до типов и царств. Для простоты в программе PALEOTREE представлены только две категории: вид и род, однако годятся и любые другие названия этих двух категорий.

В нашей программе из одного рода может произойти другой. Механизм такого происхождения довольно прост: из старого рода выделяется новый вид, на основе которого впоследствии развивается целый род. И то, что было просто ветвью на эволюционном дереве, уже само становится деревом. Разумеется, дерево (или род) может и полностью отмереть, когда исчезнут все составляющие его виды. Количество видов, из которых состоит род на данный момент, можно назвать разнообразием рода. Оно отражает не только генетическое богатство, но и вероятность выживания рода. Для изображения результатов работы программы PALEOTREE есть изящный графический способ. Каждый род представляется симметричной фигурой из горизонтальных прямоугольников, напоминающей веретено. Каждый прямоугольник представляет соответствующую эпоху, а горизонтальный размер прямоугольника — разнообразие рода в данную эпоху. Получающиеся в результате фигуры изображены на рисунке внизу.

Нетрудно, и даже полезно, поупражняться в построении дерева и соответствующего веретена вручную. Нарисуйте точку на листе бумаги и бросьте пару игральных костей. Если сумма выпавших чисел будет равна 2, 3 или 4, то вид немедленно вымирает. *P. radiculus* оказывается мертворожденным, и из точки на бумаге не появляется никаких ответвлений. Если сумма равна 9 или 10, то появляются ответвления — вид развивается. От исходной точки вверх отходят два коротких отрезка, и на конце каждого из них изображается еще по одной точке. Если выпадает любая другая сумма, вид сохраняется неизменным. В этом случае от исходной точки вверх отходит один отрезок, заканчивающийся точкой. В каждую эпоху этот эксперимент повторяется для каждого еще не вымершего вида. В результате описанной процедуры возникает дерево, а на веретенообразной диаграмме длина каждого прямоугольника соответствует количеству точек на данном уровне дерева (см. рисунок на с. 84).

При однократном бросании костей вероятность того, что вид исчезнет в следующей эпохе, равна 1/6, или 0,167, вероятность ветвления равна 7/36, или 0,194, а вероятность того, что вид останется без изменений, равна 23/36, или 0,639. Эти вероятности приблизительно соответствуют значениям, принятым в программе PALEOTREE, и поэтому приводят к аналогичным деревьям. Поскольку вероятность вымирания вида несколько меньше, чем вероятность ветвления, можно полагать, что некоторые деревья будут расти до бесконечности. Так ли это на самом деле? Ин-



в биологических родáх, моделируемые программой Д. Раупа, аналогичной программе PALEOTREE

WWW.SCIAM-MAGAZINE.NAROD.RU

тересно, к какому выводу придут читатели, пожелающие провести бессонную ночь в поисках ответа?

Чтобы построить веретенообразную диаграмму, вовсе не обязательно прослеживать за деревом каждого рода. Программа PALEOTREE просто подсчитывает количество видов, из которых состоит род в каждую данную эпоху, и следит за ветвлениями родов. Обе функции можно реализовать при помощи двумерного массива *history*. Каждый столбец представляет род, а строка — эпоху. Таким образом, *history* (*i*, *j*) — это количество видов, из которых состоит род *j* на момент времени, соответствующий эпохе *i*. После того как программа смодулирует эволюционный процесс для заданного числа шагов по времени, или эпох, массив *history* можно распечатать и воспользоваться значениями его элементов для построения веретенообразных диаграмм от руки. Читатели, располагающие некоторым опытом в графическом программировании, могут попытаться составить дополнительную программу, автоматически строящую диаграммы, однако детальное описание этой процедуры потребовало бы самостоятельной статьи.

Чтобы работать с программой PALEOTREE в ее простейшем варианте, вначале нужно указать с клавиатуры число эпох, или «поколений». Это число запоминается программой в переменной *numgen*; оно является максимальным значением, которые может принимать индекс *i* в массиве *history*. По мере того как программа выполняет свой внешний цикл, значение *i* последовательно увеличивается на 1, начиная от 1 и кончая *numgen*. В этот цикл вложен второй цикл с индексом, пробегающим значения *j* в массиве *history*, при этом каждое значение *j* соответствует определенному роду. Чтобы определить максимальное значение индекса *j*, введена переменная *max*. Поскольку в исходном состоянии существует лишь один род, значение переменной *max* вначале устанавливается равным 1. По мере того как повторяется выполнение внешнего цикла, количество родов то возрастает, то убывает. Для каждой новой эпохи значение *max* устанавливается равным числу родов, существовавших в предыдущую эпоху. Перед выполнением цикла с индексом *j* переменной *lmax* присваивается значение *max*, и *j* пробегает значения от 1 до *lmax*.

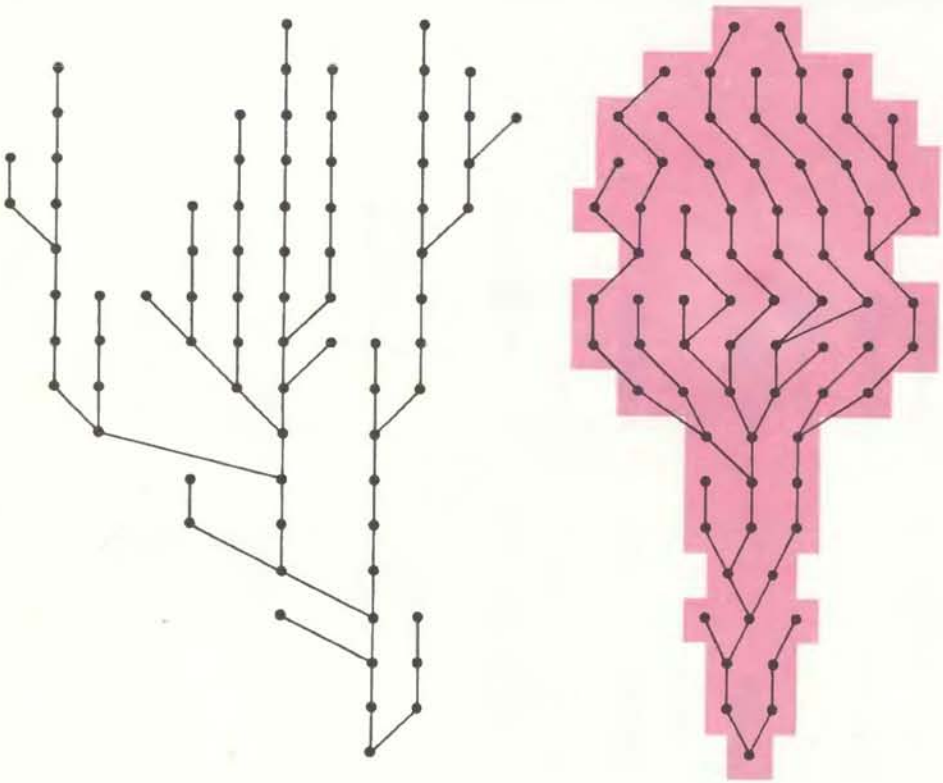
Во втором цикле программа PALEOTREE подсчитывает количество видов, из которых состоит на данный момент род *j*, и запоминает это число во временной переменной *temp*. Затем программа входит в свой третий, самый внутренний цикл, где определяется судьба каждого вида, принадлежащего *j*-му роду. Индекс *k* этого внутреннего цикла можно рассматривать как счетчик видов. Он пробегает значения от 1 до *temp*, и значение *temp* заносится также в элемент *history* (*i* + 1, *j*) массива, и таким образом указывается количество видов *j*-го рода в следующей эпохе *i* + 1.

Для каждого вида, или, другими словами, для каждого значения *k*, выбирается случайное число в диапазоне от 0 до 1. Это делается посредством оператора, генерирующего случайные числа. Конкретный вид этого оператора зависит от языка программирования, которым вы пользуетесь. Если случайное число оказывается меньше 0,15, то *k*-й вид вымирает и элемент массива *history* (*i* + 1, *j*) уменьшается на 1. Если значение случайного числа больше 0,8, то от *k*-го вида отделяется новый вид и элемент *history* (*i* + 1, *j*) увеличивается на 1. Таким образом, виды вымирают с вероятностью 0,15 и порождают новые виды с вероятностью 0,2.

В написанной Раупом программе, на основе которой была создана программа PALEOTREE, новый род определялся посредством ретроспективного анализа, слишком сложного для того, чтобы описывать его в настоящей статье. Однако Рауп заметил, что в достаточной мере сходные результаты можно получить и более простым путем. Предположим, что из каждого вида может произойти новый род с довольно маленькой вероятностью, скажем 0,02. Это предположение нужно встроить во внутренний цикл. Если случайное число, определяющее судьбу *k*-го вида, окажется больше 0,98, то программа PALEOTREE прерывает на мгновение обычный порядок работы, чтобы создать новый род вместо нового вида.

Относительно этой части программы следует сделать несколько важных технических замечаний. Сначала значение *max* увеличивается на 1 и *i*-й элемент нового столбца в массиве *history*, а именно *history* (*i*, *max*), устанавливается равным индексу рода *j*, от которого произошел новый род. Таким образом в массиве можно запомнить информацию, касающуюся происхождения нового рода. Это позволяет читателю (или программе графического отображения) установить происхождение каждого рода. В эпоху *i* + 1, на первой стадии своей эволюции, вновь созданный род состоит лишь из одного-единственного вида. Поэтому элемент массива *history* (*i* + 1, *max*) полагается равным 1, после чего эволюция идет своим обычным ходом.

При тех значениях вероятностей, которые мы установили в программе, какие-то роды практически неизбежно обречены на вымирание. В таком случае столбец массива *history*, соответствующий исчезнувшему роду,



Судьба видов, образующих род, определяется бросанием игральных костей

WWW.SCIAM-MAGAZINE.NARODRU

становится нулевым и значение *max* должно быть уменьшено на 1. В некоторых языках программирования это может привести к осложнениям. Вместо того чтобы игнорировать такой столбец массива, самый внутренний цикл может выполниться один или два раза, несмотря на то что переменная *temp* равна 0. Дело в том, что в некоторых языках программирования предполагается, что подобные циклы должны выполняться по уменьшению от 1 до 0, и таким образом уже обреченный было род получает шанс чудоподобного воскресения. Чтобы избежать этой ситуации, в начало внутреннего цикла следует вставить процедуру проверки значения переменной *temp*, и если она оказывается равной 0, то весь внутренний цикл должен быть пропущен.

Как всегда, некоторым читателям, наверное, захочется немного поэкспериментировать с предложенной программой. Например, как изменится разнообразие рода, если вероятность вымирания вида увеличить с 0,15 до 0,2? Приведет ли равновероятность вымирания и ветвления к тому, что все живое прекратит свое существование? Было бы интересно познакомиться с результатами, полученными читателями, в которых наблюдаются массовые вымирания или очень незначительный процент выживания.

Наверное, никого не удивит то, что вторая из рассматриваемых в этой статье программ весьма сходна с программой PALEOTREE как по своей структуре, так и по выполняемым функциям. Напомним, что она моделирует выживание и вымирание фамилий. На самом деле эта программа может быть получена из PALEOTREE, если убрать из нее процедуру, генерирующую новый род. Назовем нашу вторую программу NEOTREE.

Как и в первой программе, здесь имеется массив *history*, в котором регистрируются все события по мере того, как идет время. Однако первоначально массив *history* содержит уже не один элемент, а 1000. Эти элементы представляют 1000 английских фамилий из числа наиболее распространенных в 1350 г. Было бы, наверное, смешно (хотя и не лишено определенного антикварного шарма), если бы мы действительно ввели в программу 1000 реальных фамилий. Но ограничимся тем, что каждый столбец массива *history* будет представлять какую-то одну фамилию, которая, к сожалению, просто соответствует порядковому номеру столбца. Исходное значение элемента в каждом из 1000 столбцов равно 1. Оно представляет одну английскую семью: мать, отца и нескольких детей. В действительности программа прослеживает лишь за представителями мужского пола, т. е. за теми членами семьи, которые могут передать свою фамилию следующему поколению.

ЧИСЛО ПОТОМКОВ МУЖСКОГО ПОЛА	0	1	2	3	4	5	6
ВЕРОЯТНОСТЬ ОБРАЗОВАНИЯ СЕМЬИ В НОВОМ ПОКОЛЕНИИ	0,317	0,364	0,209	0,080	0,023	0,005	0,001

Статистические данные о числе потомков мужского пола и вероятности продолжения рода за период с 1350 г. по настоящее время

В данном случае было нереалистично по аналогии с программой PALEOTREE ограничить возможность ветвления семьи двумя новыми в каждом поколении. В программе NEOTREE каждая семья может «породить» от 0 до 6 новых семей в каждом поколении. Самый внутренний цикл программы обрабатывает фамилии аналогично тому, как внутренний цикл программы PALEOTREE оперировал с родами. Например, когда программа рассматривает j-ю фамилию, переменная *temp* устанавливается равной количеству семей, носящих на данный момент j-ю фамилию. В свою очередь каждая семья рассматривается в самом внутреннем цикле. Здесь при помощи датчика случайных чисел определяется количество представителей мужского пола, которые происходят из данной семьи и заводят свои собственные семьи.

Стерджес и Хэггет в своей работе пользовались таблицей, составленной по данным статистического анализа генеалогических записей и устанавливающей вероятности семи возможных событий для каждой семьи (см. рисунок вверху). Например, по статистике с вероятностью 0,317 в семье не окажется ни одного представителя мужского пола следующего поколения, у которого впоследствии будет собственная семья. С вероятностью 0,364 в семье окажется один такой представитель и т. д.

Между случайными числами, порождаемыми программой и значениями вероятностей, указанными в таблице, о которой мы только что говорили, нетрудно установить соответствие. Например, если случайное число оказывается меньше или равно 0,317, то у данной семьи не будет потомков мужского пола, которые создадут свои семьи в следующем поколении; в этом случае семья (а может быть, и фамилия, которую она носит) прекратит свое существование. Если случайное число находится в промежутке от 0,317 до 0,681 (сумма 0,317 и 0,364), то в семье окажется один потомок, потенциальный глава новой семьи. Другими словами, случайное число будет попадать во второй диапазон приблизительно 364 раза из 1000, что соответствует вероятности, полученной по данным статистического анализа. Оставшаяся часть таблицы строится аналогичным образом.

После того как программа NEOTREE определила судьбу данной семьи на следующее поколение, она действует точно так же, как и PALEOTREE. По достижении i-го поколения число семей, носящих фамилию j, запоминается в переменной *temp*. Индекс k самого внутреннего цикла пробегает значения от 1 до *temp*, и значение *temp* присваивается элементу массива *history* $(i + 1, j)$, как и раньше. Для каждой семьи с фамилией j, которая не дает ни одного потомка мужского пола, потенциального основателя новой семьи, элемент *history* $(i + 1, j)$ уменьшается на 1. Это отражает тот факт, что в следующем поколении число семей, носящих фамилию j, будет на одну меньше. Для каждой семьи с фамилией j, дающей одного потомка мужского пола, элемент массива *history* $(i + 1, j)$ остается без изменений. Для каждой семьи, дающей двух потомков мужского пола, значение *history* $(i + 1, j)$ увеличивается на 1 и т. д.

В некотором смысле программы PALEOTREE и NEOTREE приводят к противоположным результатам. Например, в программе NEOTREE принимается, что каждое новое поколение наступает через 28 лет и, таким образом, за период с 1350 по 1986 г. сменяются 22 или 23 поколения; другими словами, требуется провести 22 или 23 цикла вычислений. Какая часть фамилий исчезнет за это время? Стерджес и Хэггет установили, что количество фамилий неуклонно уменьшается и что за 636-летний период исчезает почти три четверти фамилий. Может быть, некоторые читатели наберутся терпения и продолжат выполнение программы NEOTREE до тех пор, пока не установят, в каком году из 1000 исходных фамилий сохранится только одна.

WWW.SCIAM-MAGAZINE.NAROD.RU

Как и следовало ожидать, результаты моделирования с помощью программы PALEOTREE были совершенно иными. Несмотря на исчезновение отдельных родов, жизнь постепенно становится все более разнообразной. По мере того как одна эпоха сменяет другую, суммарное количество родов имеет тенденцию к возрастанию. Поэтому естественно предполагать, что некоторые роды станут настолько многочисленными и разнообразными, что практически окажутся полностью застрахованными от случайного вымирания в течение всего времени существования Вселенной. Тем не менее первоначальная версия программы Раупа давала необычайно много случаев вымирания, и этот результат был озадачивающим.

Программа PALEOTREE была создана в 70-е годы, когда внимание многих исследователей было приковано к свидетельствам массовых вымираний, зафиксированным в хронологии ископаемых остатков. Если верить этим свидетельствам, то подобные массовые исчезновения видов могли объясняться какими-то геологическими или космическими катаклизмами. Работая совместно с С. Гоулдом из Гарвардского университета и другими коллегами, Рауп высказал предположение, что быстро выполняющаяся программа моделирования, подобная программе PALEOTREE, может служить в качестве «нулевой гипотезы»: если при такой работе программы будут наблюдаться явления массового вымирания, аналогичные тем, что наблюдаются в хронологии ископаемых остатков, то, возможно, для их объяснения совсем не обязательно было бы делать предположение о каких-либо катастрофических событиях.

Честно говоря, перед тем как писать свою программу, Рауп не имел оснований сомневаться в существовании таких явлений, как массовое вымирание видов. Он ожидал, что между результатами моделирования с помощью программы и широкими флуктуациями, наблюдаемыми в палеонтологии, не будет сколько-нибудь существенной корреляции. Однако в действительности такая корреляция была установлена и носила ярко выраженный характер. Некоторые филогенетические линии, порождаемые программой, ветвились и распространялись широко, в то время как другие заходили в тупик, так же как и по хронологии ископаемых находок. Наблюдались даже такие явления, когда сразу несколько линий одновременно обрывались, свидетельствуя о вымирании видов. Для чего тогда нужно было связывать эти явления с периодами оледенения или столкновениями Земли с астероидами, если массовые исчезновения биологических видов можно объяснить чисто случайными причинами?

С. Стэнли из Университета Джонса Гопкинса подверг критике результаты и их интерпретацию Раупом вскоре после их опубликования. Стэнли отметил, что число видов, которое программа допускала в одном роду, было нереалистично малым. А чем меньше видов насчитывается в роду, тем более вероятно, что случайные флуктуации их численности приведут к полному исчезновению рода. В реальных условиях количество видов в роду обычно достаточно велико, чтобы успешно противостоять таким флуктуациям. Поэтому в отличие от массовых исчезновений, полученных при моделировании по программе Раупа, реальные вымирания видов, зафиксированные в палеонтологии, могут и не быть результатом обычных статистических закономерностей. Рауп признал справедливость критических замечаний Стэнли и теперь придерживается той точки зрения, что реальные массовые вымирания, вероятно, не были результатом чисто случайных событий.

Одна из причин относительно малого разнообразия родов, наблюдавшегося в результатах Раупа, заключалась в том, что первоначально в программе организовывались слишком маленькие массивы. Такие массивы искусственно ограничивали каждый род, самое большее, 40 видами. Как отметил Рауп: «Мы не понимали тогда, насколько важную роль играет этот фактор». Его программа не помещала более одного вида в один элемент массива в отличие от программы PALEOTREE, потому что Рауп хотел проследить за развитием эволюционного дерева для каждого вида в отдельности, чтобы потом можно было внимательно изучить процесс случайного образования видов.

Еще одна причина сравнительно небольшого разнообразия видов заключается в том, что и программа Раупа, и программа PALEOTREE начинают с одного-единственного вида. Такая модель была бы, наверное, более подходящей для аппроксимации ранних этапов биологической эволюции, когда разнообразие видов было еще невелико. Читатели, которые желают убедиться в справедливости критических замечаний Стэнли, могут, например, в качестве исходных данных принять массив *history*, содержащий 100 родов, каждый из которых состоит из 100 видов. Будут ли при этих условиях наблюдаться массовые вымирания? В одной из наших следующих статей я рассмотрю наиболее интересные результаты, полученные читателями как в отношении трилобитов, так и в отношении Смитов.

В ЖУРНАЛЕ за прошлый месяц было рассказано о четырехмерном помешательстве моего ассистента Мэги. Он утверждал, что попал в четвертое измерение и открыл у гиперкубов кое-какие интересные свойства. Его интересовало, какова длина диагонали n-мерного гиперкуба и каким будет объем n-мерной гиперсферы, вписанной в n-мерный гиперкуб. Признаться, мне показалось, что его ответы на эти вопросы были сумасбродны, потому что они противоречили обычной интуиции. Длина диагонали безгранично растет, по мере того как увеличивается размерность гиперкуба. В то же время объем вписанной гиперсферы становится все меньше и меньше!

Впрочем, первый ответ нетрудно объяснить, если формулу евклидова расстояния перенести на высшие размерности: длина диагонали n-мерного гиперкуба просто пропорциональна квадратному корню из n и безгранично возрастает по мере того, как увеличивается значение n. Я не знаю, каким образом можно элементарно объяснить уменьшение объема вписанной гиперсферы, однако Т. Бэнкофф из Университета Брауна, которому с помощью компьютера удалось получить изображения вращающейся гиперсферы, рассмотренные в предыдущей статье, выдвинул довольно убедительный аргумент.

Объем гиперсферы можно грубо аппроксимировать объемом вписанного гипервосьмигранника. Каким образом мы можем представить себе вписанный гипервосьмигранник? Каждая вершина обычного восьмигранника, вписанного в куб, касается одной из граней куба. По аналогии каждая вершина гипервосьмигранника лежит в центре одной из гиперграней гиперкуба. После этой подсказки нетрудно вычислить объем гипервосьмигранника, и он действительно уменьшается по мере роста размерности.

Отбросив апрельские шутки, должен сознаться, что этими интригующими задачками я обязан не Мэги, а Р. Грехему, признанному «математу», работающему в фирме AT&T Bell Laboratories.

В апрельском номере журнала я рассказывал читателям о машине, играющей в шахматы, которую в 1890 г. изобрел испанский инженер Л. Торрес-и-Кеведо. Машина всегда ставила мат черному королю, играя королем и ладьей против любого

WWW.SCIAM-MAGAZINE.NAROD.RU

игрока-человека. Какова была конструкция этой машины? Сравнительно старое, но тем не менее отличное описание приведено в книге Д. Леви «Шахматы и компьютеры» (David Levy "Chess and Computers"). Каким образом нужно запрограммировать ходы этой машины? Я предложил читателям попытаться придумать алгоритмы, отличающиеся такой же стопроцентной эффективностью.

Подходы к решению этой задачи, не говоря уже об алгоритмических стилях, отличались таким разнообразием, что было трудно выбрать какое-то одно, наиболее изящное решение. Трое читателей, С. Лидделл из Силвер-Спринга (шт. Мэриленд), П. Кэнифф из Марлтона (шт. Нью-Джерси) и С. Перрис из Бейтон-Ружа (шт. Луизиана), не только воспользовались надежными алгоритмами, обеспечивающими мат черным, но составили также и программы, чтобы экспериментально подтвердить эффективность выбранных алгоритмов.

В алгоритме Лидделла, пожалуй лучшем из трех, используется стратегия «поворачивая разделяй». Алгоритм поворачивает доску в поисках таких позиций, в которых черный король находится не меньше чем на две линии выше белого короля. По крайней мере одна такая позиция всегда существует, но в большинстве случаев их две. Если алгоритм находит лишь одну такую позицию, он выбирает ее в качестве цели. Если таких позиций оказывается две, то программа выбирает ту, в которой черный король находится ближе к дальнему концу доски. После того как позиция выбрана, программа «отрезает» часть доски при помощи ладьи так, чтобы черный король не мог выйти из отрезанной зоны. Если же белая ладья находится в таком положении, что не может сразу отрезать путь черному королю, то она перемещается на дальний конец доски. Тогда независимо от хода черных программа может отрезать нужную часть доски на следующем ходе. Вся эта процедура требует, самое большее, двух ходов белых.

Таким образом, Лидделл реализует стратегию белых, заключающуюся в том, чтобы последовательно оттеснить короля черных в угол доски. Важное преимущество описанного алгоритма заключается в его вращательной симметрии. Если черный король «не выше» по отношению к белому, программа просто поворачивает доску, пока это условие не будет выполнено.

В нескольких стратегиях, представленных различными читателями, применена ключевая шахматная концепция оппозиции. Если королей разделяет только одно поле и один из королей должен делать ход, то этот король не может придвигаться к другому на любое соседнее с ним поле: он должен либо соблюдать ту же дистанцию, либо двигаться в противоположную сторону. Пожалуй, наилучшая стратегия, использующая оппозицию, была предложена А. Гилли-лендом из Арлингтона (шт. Виргиния). Приведем (в слегка перефразированной форме) применяемые им правила:

1. Ладья всегда занимает первую или восьмую горизонталь. Если она подвергается атаке на одной горизонтали, она переходит на другую.

2. Белый король движется к центру доски и пытается оттеснить короля черных к зоне, контролируемой ладьей.

3. Белые стремятся достичь оппозиции, в которой короли находятся на одной горизонтали; их разделяет одно поле, и ход принадлежит белым. Чтобы достичь оппозиции, белые иногда вынуждены сделать лишний ход ладьей, временно нарушая правило 1.

4. Когда белые достигают оппозиции, они делают шах черному королю, совершая ход ладьей на вертикаль, занимаемую черным королем, тем самым оттесняя его на одну вертикаль ближе к краю доски.

5. Правила 3 и 4 применяются повторно, пока черный король не достигнет края доски. Затем применение правила 4 дает мат.

Гиллиленд утверждает, что его стратегия всегда приносит успех. Он отмечает также, что алгоритм, обеспечивающий мат за минимальное количество ходов, вероятно, не будет самым коротким по числу машинных команд.

Издательство **МИР** *предлагает:*

Ф. Айала, Дж. Крайгер

СОВРЕМЕННАЯ ГЕНЕТИКА

В 3-х томах

Перевод с английского

Эта книга — учебное пособие по генетике, написанное на самом современном уровне. Вышедшее в США вторым дополненным изданием, оно удачно сочетает молекулярную генетику с генетикой популяций и эволюционным учением. В 1-м томе обсуждаются: организация генетического материала; понятия и методы классической генетики; хромосомные основы наследственности; организация ДНК в хромосомах; картирование хромосом; структура гена; организация генома вирусов; структура генома бактерий; методы изучения ДНК. Во 2-м томе рассматриваются: функция гена; генетический код; регуляция активности генов у про- и эукариот; генетика развития; культуры клеток и их использование в генетике; картирование хромосом человека; основы генетики количественных признаков. Третий том включает такие вопросы, как: эволюция генома; типы генных мутаций и скорость их возникновения; хромосомные мутации, их классификация; генетическая структура популяций; естественный отбор; инбридинг и географическая дифференциация популяций; вопросы видообразования и эволюции.

Для генетиков, молекулярных биологов, эволюционистов, студентов биологических и медицинских вузов.

Издание распространяется по подписке.

Подписка будет производиться во втором полугодии 1986 г.

1987, 58 л. Цена 6 р. 10 к. за комплект.

ИЗДАТЕЛЬСТВО МИР